甘薯渣替代白酒糟对育肥牛肌内脂肪沉积相关基因表达的影响[1]

张海波

（宜春学院生命科学与资源环境学院，宜春 336000）

摘　要：本试验旨在研究甘薯渣替代白酒糟对育肥牛肌内脂肪（IMF）沉积相关基因表达的影响。30 头西杂阉公育肥牛（西门塔尔牛×本地黄牛）随机分为 3 组，每组 10 头，每个重复 1 头牛。对照组（A 组）饲喂基础饲粮，试验 B 组和 C 组分别用甘薯渣替代基础饲粮中 50%和 100%的白酒糟，试验期为 8 周。结果表明：1）C 组的平均日增重和 IMF 含量显著低于 A 组和 B 组（$P<0.05$）。2)C 组的血清甘油三酯、总胆固醇、高密度脂蛋白和低密度脂蛋白含量显著低于 A 组（$P<0.05$）。3）C 组背最长肌脂肪酸合成酶（FAS）和乙酰辅酶 A 羧化酶（ACC）活性显著低于 A 组和 B 组（$P<0.05$），激素敏感脂肪酶（HSL）和肉碱转移酶-1（CPT-1）活性显著高于 A 组和 B 组（$P<0.05$）。B 组背最长肌 FAS 和 ACC 活性显著低于 A 组（$P<0.05$），HSL 和 CPT-1 活性显著高于 A 组（$P<0.05$）。4）C 组背最长肌固醇调节元件结合蛋白-1（*SREBP*-1）、*FAS*、*ACC* 和过氧化物酶增殖激活受体γ（*PPARγ*）基因表达量显著低于 A 组和 B 组（$P<0.05$），*HSL* 和 *CPT*-1 基因表达量显著高于 A 组和 B 组（$P<0.05$）。B 组背最长肌 *SREBP*-1、*FAS*、*ACC* 和 *PPARγ*基因表达量显著低于 A 组（$P<0.05$），*HSL* 和 *CPT*-1 基因表达量显著高于 A 组（$P<0.05$）。由此可见，提高甘薯渣替代白酒糟比例，可下调育肥牛背最长肌脂肪酸合成相关基因（*SREBP*-1、*FAS*、*ACC* 和 *PPARγ*）表达以及上调脂肪分解相关基因（*HSL* 和 *CPT*-1）表达，减少背最长肌 IMF 沉积。

关键词：育肥牛；甘薯渣；肌内脂肪；基因表达；白酒糟

中图分类号：　　　　文献标识码：　　　　文章编号：

---

[1]收稿日期：2018-05-03

基金项目：江西省教育厅科学技术研究项目（GJJ170919）；宜春学院博士科研启动基金（3350100050）

作者简介：**张海波**（1985—），男，**重庆开州**人，讲师，博士研究生，从事反刍动物营养研究。E-mail: zhanghaiboainide@163.com

甘薯渣是甘薯经过脱淀粉后的副产物，具有高粗纤维、低粗蛋白质和低脂肪含量的特性，而反刍动物瘤胃微生物可以有效利用粗纤维，故甘薯渣可作为反刍动物饲料资源加以利用。白酒糟是生产白酒后的副产物，我国白酒糟年产量约为 1 500 万 t，常作为肉牛养殖中主要的糟渣类饲料，可以缓解我国饲料资源紧张，在节粮型畜牧业方面具有重要的作用[1-3]。肌内脂肪（IMF）含量与肉品风味、嫩度和多汁性等密切相关[4]，直接影响牛肉的分级、牛肉产品的开发以及市场竞争力[5]。IMF 沉积是脂肪酸的合成与分解相互竞争的结果，受到固醇调节元件结合蛋白-1（*SREBP*-1）、乙酰辅酶 A 羧化酶（*ACC*）、脂肪酸合成酶（*FAS*）和过氧化物酶增殖激活受体γ（*PPARγ*）等脂肪合成基因的调控[6-7]以及激素敏感脂肪酶（*HSL*）和肉碱转移酶-1（*CPT*-1）等脂肪分解基因的调控[8-9]。以前的研究多集中在饲粮添加酒糟对肉牛生长性能及肉品质的影响，而研究甘薯渣替代白酒糟对育肥牛 IMF 沉积相关基因表达的研究较少。因此，本研究旨在研究甘薯渣替代白酒糟对育肥牛生长性能、屠宰性能、血清生化指标及与 IMF 沉积相关基因表达的影响，为育肥牛合理添加甘薯渣和白酒糟提供理论依据和基本参数。

1　材料与方法

1.1　试验设计、饲粮及饲养管理

将 16 月龄、体重约 400 kg 的健康西杂阉公育肥牛（西门塔尔牛×本地黄牛）30 头，随机分为 3 组，每组 10 头，每个重复 1 头牛。对照组（A 组）饲喂基础饲粮，试验 B 组和 C 组分别用甘薯渣替代基础饲粮中 50%和 100%的白酒糟（分别含 10%甘薯渣和 20%甘薯渣）。试验期为 9 周（预试期 1 周和正试期 8 周）。

甘薯渣来自同一个红薯淀粉厂，经脱水后窖藏，供整个试验用。白酒糟来自同一个酒厂生产的高粱鲜酒糟。饲喂时将白酒糟和甘薯渣拌入精补料。精粗比 40：60。基础饲粮的配制参考肉牛营养需要[10]，试验饲粮组成和营养水平见表 1。白酒糟的营养成分（干物质基础）为：粗蛋白质 24.83%，粗脂肪 13.21%，酸性洗涤纤维 41.12%，中性洗涤纤维 47.79%，钙

0.31%，磷 0.42%。甘薯渣的营养成分（干物质基础）为：粗蛋白质 3.90%，粗脂肪 0.60%，酸性洗涤纤维 14.63%，中性洗涤纤维 24.10%，钙 0.19%，磷 0.02%。

表 1 试验饲粮组成及营养水平（风干基础）

Table 1 Composition and nutrient levels of experimental diets (air-dry basis) %

项目 Items	组别 Groups		
	A	B	C
原料 Ingredients			
稻草 Straw	40.00	40.00	40.00
酒糟 Distiller's grains	20.00	10.00	
甘薯渣 Sweet potato residue		10.00	20.00
玉米 Corn	34.86	34.86	34.86
米糠 Rice bran	3.00	3.00	3.00
菜籽粕 Rapeseed meal	0.30	0.30	0.30
磷酸氢钙 $CaHPO_4$	0.94	0.94	0.94
石粉 Limestone	0.48	0.48	0.48
食盐 NaCl	0.20	0.20	0.20
预混料 Premix[1)]	0.22	0.22	0.22
合计 Total	100.00	100.00	100.00
营养水平 Nutrient levels[2)]			
综合净能 NE_{mf}/(MJ/kg)	6.64	6.31	5.98
粗蛋白质 CP	11.69	9.59	7.59
中性洗涤纤维 NDF	32.40	30.03	27.67
酸性洗涤纤维 ADF	37.26	34.62	31.97
粗脂肪 EE	5.93	4.67	3.41
钙 Ca	0.56	0.55	0.54
磷 P	0.34	0.30	0.26

[1)] 预混料为每千克饲粮提供 The premix provided the following per kg of diets：VA 9 000 IU，VD_3 2 000 IU，VE 16 IU，Cu (as copper sulfate) 9 mg，Fe (as ferrous sulfate) 100 mg，Mn

(as manganese sulfate) 54 mg，Zn (as zinc sulfate) 54 mg，Se (as sodium selenite) 0.20 mg。

2)综合净能、钙和磷为计算值，其余为实测值。NE_{mf}, Ca and P were calculated values, while others were measured values.

试验牛的管理按照肉牛常规管理进行，每头牛单独拴养饲喂，在每天固定时间（08:00 和 16:00）饲喂 2 次，自由采食，自由饮水。

1.2　样品采集

试验结束后，每组选择 5 头接近组平均体重的牛进行屠宰试验，牛屠宰后立即采集背最长肌样品，一部分立刻放入液氮罐中冻存，然后放入-80 ℃超低温冰箱保存备用，用于提取 RNA 后测定基因表达；另外一部分放入-20 ℃冰箱，用于酶活性的测定。试验结束后空腹颈静脉采血 15 mL，3 000 r/min 离心 l0 min，收集血清后马上-20 ℃冰箱保存，用于血清生化指标的测定。

1.3　生长性能和屠宰性能的测定

在试验开始和结束后分别称取牛的体重用于计算平均日增重（ADG），其计算公式为 ADG=（末重-初重）/天数。每天记录精、粗料实际饲喂量，并计算平均日采食量和料重比。动物饲养试验结束后，每组选择 5 头接近组平均体重的牛进行屠宰，测定胴体产肉率和屠宰率。

1.4　血清生化指标的测定

用全自动生化仪测定血清中胆固醇、甘油三酯、低密度脂蛋白和高密度脂蛋白的含量。

1.5　背最长肌 IMF 含量及酶活性的测定

牛背最长肌 IMF 含量参照 Zhang 等[11]的方法测定。按照南京建成生物工程研究所的试剂盒说明书测定牛背最长肌的 FAS、ACC、CPT-1 和 HSL 的活性。

1.6　基因表达的测定

采用 RNAiso 试剂盒提取牛背最长肌总 RNA，用 NanoDrop 2000（Thermo Scientific，

USA）测定总 RNA 的浓度，然后用琼脂糖凝胶电泳检查其完整性。用反转录试剂盒将总 RNA 转录为 cDNA。采用 Zhang 等[11]的方法设计引物和测定基因表达，用 β -肌动蛋白做内参基因，计算目标基因的相对表达量，引物序列见表 2。

表 2　实时荧光定量 PCR 引物序列

Table 2　Primer sequences for PT-PCR

基因 Genes	GenBank 登录号 GenBank accession No.	引物序列 Primer sequences (5′—3′)	引物长度 Primer length/bp
β-肌动蛋白 β-actin	AY_141970	上游：GATCTGGCACCACACCTTCTAC 下游：GATCTGGGTCATCTTCTCACG	115
受到固醇调节元件结合蛋白-1 *SREBP*-1	NM_001113302	上游：TTGAATAAATCTGCCGTCTTG 下游：CCACTTCCACCGCTGCTACT	292
过氧化物酶增殖激活受体γ *PPARγ*	AY_179866	上游：GACTTCTCCAGCATTTCCACTC 下游：GGGATACAGGCTCCACTTTGAT	133
乙酰辅酶 A 羧化酶 *ACC*	NM_174224	上游：AAGCAATGGATGAACCTTCTTC 下游：GATGCCCAAGTCAGAGAGC	197
脂肪酸合成酶 *FAS*	NM_001012669	上游：GCAAAGTGGTCATTCAGGTACG 下游：CCCAGTGATGATGTAGCTCTTG	125
激素敏感脂肪酶 *HSL*	NM_001080220	上游：ACGAGCCTTACCTCAAGAGCTG 下游：CAGCAGTAGGCATAGGAGCACTC	124
肉碱转移酶-1 *CPT*-1	NM_001034349	上游：GGTCAACAGCAACTACTACG 下游：TGAACATCCTCTCCATCTGG	188

1.7　统计分析

数据用 Excel 2003 处理，经 SPSS 19.0 统计软件进行单因素方差分析后，采用 Duncan 氏法对各组间平均值进行多重比较，结果表示为平均值±标准差，*P*<0.05 为差异显著。

2 结 果

2.1 甘薯渣替代白酒糟对肉牛生长性能和屠宰性能的影响

由表 3 可知，平均日采食量、初始体重、屠宰率和胴体产肉率组间差异均不显著（*P*>0.05）。C 组的 ADG 和 IMF 含量显著低于 A 组和 B 组（*P*<0.05），但料重比显著高于 A 组和 B 组（*P*<0.05）。A 组和 B 组之间终末体重、ADG、料重比和 IMF 含量差异均不显著（*P*>0.05）。

表 3 甘薯渣替代白酒糟对肉牛生长性能和屠宰性能的影响

Table 3 Effects of sweet potato residue replace distiller's grains on growth performance and slaughter performance in beef cattle

项目 Items	组别 Groups		
	A	B	C
初始体重 Initial BW/kg	404.79±26.93	403.76±16.40	397.71±17.87
终末体重 Final BW/kg	481.25±27.12^{a}	475.99±19.08^{ab}	456.42±21.09^{b}
平均日增重 ADG/kg	1.25±0.07^{a}	1.18±0.08^{a}	0.96±0.09^{b}
平均日采食量 ADFI/g	7.99±0.61	8.05±0.43	8.20±0.55
料重比 F/G	6.39±0.56^{b}	6.84±0.80^{b}	8.59±0.97^{a}
屠宰率 Slaughter rate/%	55.07±3.95	53.64±1.18	53.33±1.18
胴体产肉率 Carcass meat production rate/%	84.82±1.52	83.70±1.53	84.15±1.48
肌内脂肪 IMF/%	4.34±0.29^{a}	4.21±0.11^{a}	3.11±0.10^{b}

同行数据肩标无字母或相同字母表示差异不显著（*P*>0.05），不同小写字母表示差异显著（*P*<0.05）。下表同。

In the same row, values with no letter or the same letter superscripts mean no significant difference (P>0.05), while with different small letter superscripts mean significant difference (P<0.05). The same as below.

2.2 甘薯渣替代白酒糟对肉牛血清生化指标的影响

由表 4 可知，C 组血清中甘油三酯、总胆固醇、高密度脂蛋白和低密度脂蛋白含量显著低于 A 组（P<0.05）。A 组和 B 组血清中甘油三酯、总胆固醇、高密度脂蛋白和低密度脂蛋白含量差异均不显著（P>0.05）。

表 4 甘薯渣替代白酒糟对肉牛血清生化指标的影响

Table 4 Effects of sweet potato residue replace distiller's grains on serum biochemical indexes in beef cattle mmol/L

项目 Items	组别 Groups		
	A 组	B 组	C 组
甘油三酯 Triglyceride	0.34 ± 0.03^{a}	0.28 ± 0.04^{a}	0.21 ± 0.06^{b}
总胆固醇 Total cholesterol	4.41 ± 0.46^{a}	3.98 ± 0.57^{ab}	3.50 ± 0.24^{b}
高密度脂蛋白 High density lipoprotein	2.47 ± 0.51^{a}	2.19 ± 0.20^{ab}	1.73 ± 0.30^{b}
低密度脂蛋白 Low density lipoprotein	1.56 ± 0.40^{a}	1.13 ± 0.12^{ab}	1.04 ± 0.30^{b}

2.3 甘薯渣替代白酒糟对肉牛背最长肌酶活性的影响

由表 5 可知，C 组背最长肌 FAS 和 ACC 活性显著低于 A 组和 B 组（P<0.05），HSL 和 CPT-1 活性显著高于 A 组和 B 组（P<0.05）。B 组背最长肌 FAS 和 ACC 活性显著低于 A 组（P<0.05），HSL 和 CPT-1 活性显著高于 A 组（P<0.05）。

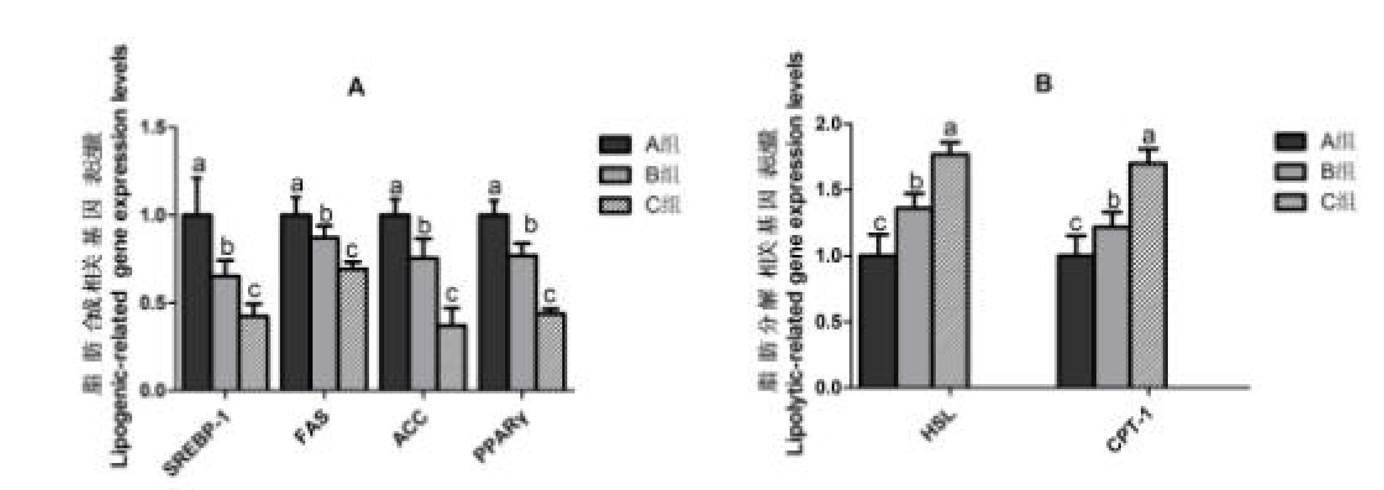
表 5 甘薯渣替代白酒糟对肉牛背最长肌酶活性的影响

Table 5 Effects of sweet potato residue replace distiller's grains on enzyme activity of *longissimus dorsi* muscle in beef cattle

项目 Items	组别 Groups		
	A	B	C
脂肪酸合成酶 FAS/(U/g prot)	28.67±1.39[a]	24.55±2.07[b]	19.02±1.24[c]
乙酰辅酶 A 羧化酶 ACC/(U/g prot)	59.94±3.30[a]	52.34±3.48[b]	43.10±3.56[c]
激素敏感脂肪酶 HSL/(mU/mg prot)	3.99±0.27[c]	4.79±0.62[b]	5.88±0.42[a]
肉碱转移酶 1 CPT-1/(U/g prot)	2.81±0.61[c]	4.55±0.65[b]	5.92±0.38[a]

2.4 甘薯渣替代白酒糟对肉牛背最长肌 IMF 沉积相关基因表达的影响

由图 1 可知，C 组背最长肌 *SREBP*-1、*FAS*、*ACC* 和 *PPARγ*基因表达量显著低于 A 组和 B 组（*P*<0.05），*HSL* 和 *CPT*-1 基因表达量显著高于 A 组和 B 组（*P*<0.05）。B 组背最长肌 *SREBP*-1、*FAS*、*ACC* 和 *PPARγ*基因表达量显著低于 A 组（*P*<0.05），*HSL* 和 *CPT*-1 基因表达量显著高于 A 组（*P*<0.05）。



数据柱标注不同小写字母表示差异显著（*P*<0.05）。

Value columns with different small letters mean significant difference (*P*<0.05).

图 1　甘薯渣替代白酒糟对肉牛背最长肌 IMF 沉积相关基因表达的影响

Fig.1　Effects of sweet potato residue replace distiller's grains on IMF related genes expression in *longissimus dorsi* muscle of beef cattle

3 讨 论

3.1 甘薯渣替代白酒糟对育肥牛生长性能和屠宰性能的影响

本试验结果表明，提高甘薯渣替代白酒糟的比例，终末体重和 ADG 降低，料重比增加，这与 Peng 等[12]、Zhang 等[13]的研究结果类似。Peng 等[12]研究了甘薯渣替代酒糟对育肥牛生长性能的影响，结果表明 20%的甘薯渣能降低其生长性能。Zhang 等[13]通过高甘薯渣替代白酒糟调控饲粮能量水平，研究其对肉牛生长性能的影响，结果表明 20%的甘薯渣降低终末体重和 ADG。这可能是因为随着甘薯渣替代白酒糟的比例增加，降低了饲粮能量和粗蛋白质含量，不利于提高育肥牛的生长性能。另外，本试验结果也表明，甘薯渣替代白酒糟的比例增加，降低了饲粮的能量和粗蛋白质含量，牛背最长肌 IMF 含量降低，这与 Peng 等[12]、陈智亮等[14]的研究结果一致。Peng 等[12]试验表明，甘薯渣替代白酒糟可降低饲粮的能量，从而降低育肥牛背最长肌 IMF 含量。综上，甘薯渣替代白酒糟的比例在 50%的时候（总饲粮的 10%），对牛生长性能和背最长肌 IMF 含量无显著影响；而当替代的比例在 100%的时候（总饲粮的 20%），显著降低牛生长性能和背最长肌 IMF 含量，说明甘薯渣替代白酒糟的比例不宜过高，甘薯渣添加量应控制在总饲粮的 10%以内。

3.2 甘薯渣替代白酒糟对育肥牛血清生化指标的影响

血清甘油三酯、总胆固醇、高密度脂蛋白和低密度脂蛋白含量是反映脂肪代谢活跃程度的重要参数，其值在一定范围内越高，表明脂肪合成代谢越旺盛。本试验结果表明，随着甘薯渣替代白酒糟的比例增加，血清甘油三酯、总胆固醇、高密度脂蛋白和低密度脂蛋白含量降低，这与 Zhang 等[13]、陈智亮等[14]的研究结果一致。这可能是因为随着甘薯渣替代白酒糟的比例增加，降低了饲粮能量和粗蛋白质含量，从而降低育肥牛血清甘油三酯、总胆固醇、高密度脂蛋白和低密度脂蛋白含量。Zhang 等[13]研究结果表明，提高甘薯渣替代白酒糟的比例可降低饲粮能量，从而降低育肥牛血清甘油三酯、总胆固醇、高密度脂蛋白和低密度脂蛋白含量。

3.3 甘薯渣替代白酒糟对育肥牛背最长肌 IMF 沉积相关基因表达的影响

IMF 沉积是脂肪酸的分解与合成相互竞争的结果，当合成代谢大于分解代谢，表现为脂肪酸积累增加。首先，IMF 沉积与脂肪酸合成能力密切相关，当脂肪酸的合成加强就促进 IMF 沉积，提高 IMF 含量。*PPARγ*基因的主要作用是正向调控脂肪代谢相关基因的表达，从而控制脂肪酸的合成与释放[6]。SREBP-1 通过调节 *ACC*、*FAS* 等脂肪合成基因的表达，从而控制脂肪酸的合成与释放[15]。FAS 的主要作用是在脂肪酸合成的过程中起催化作用，促进脂肪酸的合成，是脂肪酸合成的关键酶之一[6]。ACC 的主要作用是促进脂肪酸的合成，是脂肪酸合成的限速酶之一[7]。本试验结果表明，甘薯渣替代白酒糟的比例增加，下调牛背最长肌 *PPARγ*、*SREBP*-1、*FAS* 和 *ACC* 基因的表达量，以及降低背最长肌 FAS 和 ACC 活性，表明脂肪酸的合成能力减弱，从而牛背最长肌 IMF 沉积减少，降低 IMF 含量。陈智亮等[14]研究表明，提高甘薯渣替代白酒糟的比例可降低牛背最长肌 *PPARγ*基因表达。Peng 等[12]研究结果表明，提高甘薯渣替代白酒糟的比例可降低饲粮的能量，从而下调牛背最长肌 *PPARγ*、*SREBP*-1、*FAS* 和 *ACC* 基因表达量。

其次，IMF 沉积与脂肪酸分解能力密切相关，当脂肪酸分解作用减弱，促进 IMF 沉积，提高 IMF 含量。HSL 的主要作用是将脂肪组织中的甘油三酯水解成甘油、游离脂肪酸以及少量的甘油二酯[8]。CPT-1 的主要作用是将脂肪酸进行β氧化从而分解脂肪酸[9]。本试验结果表明，甘薯渣替代白酒糟的比例增加，牛背最长肌的 *HSL* 和 *CPT*-1 活性和基因表达量都增加，使脂肪酸分解能力加强，进而减少 IMF 沉积，降低 IMF 含量，与 Peng 等[12]研究结果一致。

4 结 论

① 甘薯渣替代饲粮中白酒糟的比例不宜过高，应控制在饲粮组成的 10%以内。

② 当提高甘薯渣替代白酒糟比例，通过下调背最长肌脂肪酸合成相关基因（*SREBP*-1、*FAS*、*ACC* 和 *PPARγ*）表达以及上调脂肪分解相关基因（*HSL* 和 *CPT*-1）表达，从而减少背

最长肌 IMF 沉积。

致谢：

感谢宜春学院生命科学与资源环境学院丁松林、郭冬生博士对文稿所提的宝贵意见。

参考文献：

[1] 高路.酒糟的综合利用[J].酿酒科技,2004(5):101–102.

[2] 何光中,刘镜,尚以顺,等.酒糟型全混合日粮对肉牛生产性能的影响[J].畜牧与兽医,2014,46(7):44–47.

[3] 刘镜,罗治华,何光中,等.不同比例酒糟全混合日粮对肉牛屠宰性能的影响[J].酿酒科技,2014(3):90–92,96.

[4] FRANK D,BALL A,HUGHES J,et al.Sensory and flavor chemistry characteristics of australian beef:influence of intramuscular fat,feed,and breed[J].Journal of Agricultural and Food Chemistry,2016,64(21):4299–4311.

[5] PIAO M Y,YONG H I,LEE H J,et al.Comparison of fatty acid profiles and volatile compounds among quality grades and their association with carcass characteristics in *longissimus dorsi* and *semimembranosus* muscles of Korean cattle steer[J].Livestock Science,2017,198:147–156.

[6] MENDES K L,DE PINHO L,ANDRADE J M O,et al.Distinct metabolic effects of resveratrol on lipogenesis markers in mice adipose tissue treated with high-polyunsaturated fat and high-protein diets[J].Life Sciences,2016,153:66–73.

[7] MYSORE R,ZHOU Y,S DEVIRTA S,et al.MicroRNA-192* impairs adipocyte triglyceride storage[J].Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Molecular and Cell Biology of Lipids,2016,1861(4):342–351.

[8] ZENG W W,PIRZGALSKA R M,PEREIRA M M A,et al.Sympathetic neuro-adipose

connections mediate leptin-driven lipolysis[J].Cell,2015,163(1):84–94.

[9] JU J,SONG J L,PARK E S,et al.Korean solar salts reduce obesity and alter its related markers in diet-induced obese mice[J].Nutrition Research and Practice,2016,10(6):629–634.

[10] 中华人民共和国农业部.NY/T 815–2004 肉牛饲养标准[S].北京:中国农业出版社,2004.

[11] ZHANG H B,DONG X W,WANG Z S,et al.Dietary conjugated linoleic acids increase intramuscular fat deposition and decrease subcutaneous fat deposition in Yellow breed × Simmental cattle[J].Animal Science Journal,2016,87(4):517–524.

[12] PENG Q H,WANG Z S,TAN C,et al.Effects of different pomace and pulp dietary energy density on growth performance and intramuscular fat deposition relating mRNA expression in beef cattle[J].Journal of Food Agriculture & Environment,2012,10(1):404–407.

[13] ZHANG H B,ZHANG X F,WANG Z S,et al.Effects of dietary energy level on lipid metabolism-related gene expression in subcutaneous adipose tissue of Yellow breed × Simmental cattle[J].Animal Science Journal,2015,86(4):392–400.

[14] 陈智亮,胡永娜,段迎凯,等.糟渣类日粮不同能量水平对肉牛血液指标和相关调控肉质基因表达的影响[C]//第五届中国牛业发展大会论文集.滨州:中国畜牧业协会,2010:387–392.

[15] SMITH S,WITKOWSKI A,JOSHI A K.Structural and functional organization of the animal fatty acid synthase[J].Progress in Lipid Research,2003,42(4):289–317.

Effects of Sweet Potato Residue Replace Distillers' Grains on Intramuscular Fat Deposition Related Genes Expression in Fattening Cattle

ZHANG Haibo*

Author, ZHANG Haibo， lecturer, E-mail: zhanghaiboainide@163.com （责任编辑 陈

（*College of Life Science and Environmetal Resource, Yichun University, Yichun 336000, China*）

Abstract: This experiment was conducted to study the effects of sweet potato residue replace distillers' grains on the intramuscular fat (IMF) deposition related genes expression in fattening cattle. Thirty crossbred fattening steers (Simmental × local yellow cattle) were randomly divided into 3 groups with 10 heads in each group and 1 cattle in each repetition. The control group (group A) was fed a basal diet, and sweet potato residue was used in groups B and C to replace 50% and 100% distiller's grains on the basal diet. The test was 9 weeks. The results showed as follows: 1) the average daily gain and IMF content in group C were significantly lower than those in groups A and B (P<0.05). 2) The serum contents of triglyceride, total cholesterol, high density lipoprotein and low density lipoprotein in group C were significantly lower than those in group A (P<0.05). 3) The activities of fatty acid synthetase (FAS) and acetyl coenzyme A carboxylase activity (ACC) in *longissimus dorsi* muscle in group C were significantly lower than those in groups A and B (P<0.05), and the activities of hormone sensitive lipase (HSL) and carnitine transferase 1 (CPT-1) were significantly higher than those in groups A and B (P<0.05). The activities of FAS and ACC in *longissimus dorsi* muscle in group B were significantly lower than those in group A (P<0.05), and the activities of HSL and CPT-1 were significantly higher than those in group A (P<0.05). 4) The gene expressions of sterol regulator element binding protein -1 (*SREBP*-1), *FAS, ACC,* peroxidase activation receptor gamma (*PPARγ*) in *longissimus dorsi* muscle in group C were significantly lower than those in groups A and B (P<0.05), and the gene expressions of *HSL* and *CPT*-1 were significantly higher than those in groups A and B (P<0.05). The gene expressions of *SREBP*-1, *FAS*, *ACC*, *PPARγ* in *longissimus dorsi* muscle in group B were significantly lower than those in group A (P<0.05), and the gene expressions of *HSL* and *CPT*-1 were significantly higher than those in group A (P<0.05). The results indicate that increasing the replacement ratio of sweet potato residue to distillers' grains can down-regulate the *longissimus dorsi* fatty acid synthesis related genes (*SREBP-1, FAS, ACC* and *PPARγ*) expression, and up-regulate the fatty acid decomposition related genes (*HSL* and *CPT*-1) expression, reducing the *longissimus dorsi* IMF

鑫）

deposition.

Key words: fattening cattle; sweet potato residue; intramuscular fat; gene expression; distiller's grains